

Figure 1 SEQ NO ID: 3

1 ~~gaatgaat gaactaccta~~ ccacaactag tacacccaaa atgaacaaaa
49 aatagcttgg tggatataatt aaaatgccac caaaatttat acaataatta tattttcttt
109 ttgcaggaaa aagatttagac cacatataat gtaacttatt tcacaaggta aataattata
169 ataaataata tggattaact gagttttaaa aggtgaaata aataatgaat tcttctcatg
229 gtcttgtatg ttaataaaaa ttgaaaaatt ttgaagacc ctttttgtcc caagaatttc
289 atttacaggt attgaatttt tcaaagggtta caaaggaaat tttattgata taataaatgc
349 atgttctcat aataaccata aatctagggt tttgttggg ttttttttg tttgttaatt
409 tagaacaatg ccattccatt tctgtataa tgagtcactt ctttgttgta aactctcctt
469 agaatttctt gggagaggaa ctgaacagaa cattgatttc ctatgtgaga gaattcttag
529 aatttaaata aacctgttgg ttaaactgaa accacaaaat tagcatttta ctaatcagta
589 ggtttaaata gcttggaagc aaaagtctgc ▼ catcaccttg atcatcaac ~~cagcttgcctg~~
649 ~~cttcttccca~~ gtcttgggtt caaggtatta tgtatacata taacaaaatt tctatgattt
709 tctctgtct catctttcat tcttactaa tacgcagttg taacttttct atgtgattgc
769 aagtattggt actttcctat gatatactgt tagcttaaaa atatatttgc aaatgttgat
829 actatctatc tcagagctat aggtgaaaaa ttaaatactt ttataaagac caaattgatc
889 atttttaaac gaaattctta tatactgaaa atgtagatac ataacttcag tatagattta
949 tggtaaaata atttgaatca ttttgtcaa attctgtaaa aagttgtcat acagaataat
1009 ttataatatt tttgttttca tagaaataac attt ~~ctggta gaataattca agc~~ 1061

▼ indicates the start of exon 1

Figure 2 SEQ NO ID: 5

Sequence alignment of the 4 alleles						
Variations in transcription factor binding sites are marked with boxes						
	10	20	30	40	50	
Allel_1	1	GAATGAATGA	ACTAGTTACC	ACAACTAGTA	CACCCAAAAT	GAACAAAAAA 50
Allel_2	1	GAATGAATGA	ACTAGTTACC	ACAACTAGTA	CACCCAAAAT	GAACAAAAAA 50
Allel_3	1	GAATGAATGA	ACTAGTTACC	ACAACTAGTA	CACCCAAAAT	GAACAAAAAA 50
Allel_4	1	GAATGAATGA	ACTAGTTACC	ACAACTAGTA	CACCCAAAAT	GAACAAAAAA 50
	60	70	80	90	100	
Allel_1	51	TAGCTTGGTG	GTATAATTAA	AATGCCACCA	AAGTTTATAC	AATAATTGTA 100
Allel_2	51	TAGCTTGGTG	GTATAATTAA	AATGCCACCA	AAATTTATAC	AATAATTATA 100
Allel_3	51	TAGCTTGGTG	GTATAATTAA	AATGCCACCA	AAATTTATAC	AATAATTATA 100
Allel_4	51	TAGCTTGGTG	GTATAATTAA	AATGCCACCA	AAATTTATAC	AATAATTATA 100
	110	120	130	140	150	
Allel_1	101	TTTTCTTTT	GCAGGAAAAA	GATTAGACCA	CATATAATGT	AACTTATTTC 150
Allel_2	101	TTTTCTTTT	GCAGGAAAAA	GATTAGACCA	CATATAATGT	AACTTATTTC 150
Allel_3	101	TTTTCTTTT	GCAGGAAAAA	GATTAGACCA	CATATAATGT	AACTTATTTC 150
Allel_4	101	TTTTCTTTT	GCAGGAAAAA	GATTAGACCA	CATATAATGT	AACTTATTTC 150
	160	170	180	190	200	
Allel_1	151	ACAAGGTAAA	TAATTATAAT	AAATAATATG	GATTAAGTGA	GTTTTAAAAAG 200
Allel_2	151	ACAAGGTAAA	TAATTATAAT	AAATAATATG	GATTAAGTGA	GTTTTAAAAAG 200
Allel_3	151	ACAAGGTAAA	TAATTATAAT	AAATAATATG	GATTAAGTGA	GTTTTAAAAAG 200
Allel_4	151	ACAAGGTAAA	TAATTATAAT	AAATAATATG	GATTAAGTGA	GTTTTAAAAAG 200
	210	220	230	240	250	
Allel_1	201	GTGAAATAAA	TAATGAATTC	TTCTCATGGT	CTTGTATGTT	AATAAAAAATT 250
Allel_2	201	GTGAAATAAA	TAATGAATTC	TTCTCATGGT	CTTGTATGTT	AATAAAAAATT 250
Allel_3	201	GTGAAATAAA	TAATGAATTC	TTCTCATGGT	CTTGTATGTT	AATAAAAAATT 250
Allel_4	201	GTGAAATAAA	TAATGAATTC	TTCTCATGGT	CTTGTATGTT	AATAAAAAATT 250
	260	270	280	290	300	
Allel_1	251	GAAAAATTTT	GAAGACCCCA	TTTTGTCCCA	AGAATTTCT	TTACAGGTAT 300
Allel_2	251	GAAAAATTTT	GAAGACCCCA	TTTTGTCCCA	AGAATTTTCAT	TTACAGGTAT 300
Allel_3	251	GAAAAATTTT	GAAGACCCCA	TTTTGTCCCA	AGAATTTTCAT	TTACAGGTAT 300
Allel_4	251	GAAAAATTTT	GAAGACCCCA	TTTTGTCCCA	AGAATTTTCAT	TTACAGGTAT 300
	310	320	330	340	350	
Allel_1	301	TGAATTTTTC	AAAGGTTACA	AAGGAAATTT	TATTGATATA	ATAAATGCAT 350
Allel_2	301	TGAATTTTTC	AAAGGTTACA	AAGGAAATTT	TATTGATATA	ATAAATGCAT 350
Allel_3	301	TGAATTTTTC	AAAGGTTACA	AAGGAAATTT	TATTGATATA	ATAAATGCAT 350
Allel_4	301	TGAATTTTTC	AAAGGTTACA	AAGGAAATTT	TATTGATATA	ATAAATGCAT 350
	360	370	380	390	400	
Allel_1	351	GTTCTCATAA	TAACCATAAA	TCTAGGGTTT	TGTTGGGGTT	TTTT--GTTT 400
Allel_2	351	GTTCTCATAA	TAACCATAAA	TCTAGGGTTT	TGTTGGGGTT	TTTTTTGTTT 400
Allel_3	351	GTTCTCATAA	TAACCATAAA	TCTAGGGTTT	TGTTGGGGTT	TTTTTT---- 400
Allel_4	351	GTTCTCATAA	TAACCATAAA	TCTAGGGTTT	TGTTGGGGTT	TTTTTT---- 400
	410	420	430	440	450	
Allel_1	401	GTTAATTTA	GAACAATGCC	ATTCCATTTC	CTGTATAATG	AGTCGCTTCTT 450
Allel_2	401	GTTAATTTA	GAACAATGCC	ATTCCATTTC	CTGTATAATG	AGTCACTTCTT 450
Allel_3	401	GTTAATTTA	GAACAATGCC	ATTCCATTTC	CTGTATAATG	AGTCACTTCTT 450
Allel_4	401	GTTAATTTA	GAACAATGCC	ATTCCATTTC	CTGTATAATG	AGTCACTTCTT 450
	460	470	480	490	500	
Allel_1	451	TGTTGTAAA	CTCTCCTTAG	AATTTCTTGG	GAGAGGAACT	GAACAGAACAT 500
Allel_2	451	TGTTGTAAA	CTCTCCTTAG	AATTTCTTGG	GAGAGGAACT	GAACAGAACAT 500
Allel_3	451	TGTTGTAAA	CTCTCCTTAG	AATTTCTTGG	GAGAGGAACT	GAACAGAACAT 500
Allel_4	451	TGTTGTAAA	CTCTCCTTAG	AATTTCTTGG	GAGAGGAACT	GAACAGAACAT 500

AP-1
 YY-1

U.S. Patent Application No. 10/524,295
By: Eva-Maria PRINZENBERG et al.
Filed: September 29, 2005
Title: METHOD FOR SCREENING
THE ALLELIC STATE AT THE ...
REPLACEMENT SHEET

Figure 2 (continued) SEQ NO ID: 5

	510	520	530	540	550	
Allel_1	501 TGATTTTCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGTTGGTTA	550
Allel_2	501 TGATTTTCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGTTGGTTA	550
Allel_3	501 TGATTTTCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGTTGGTTA	550
Allel_4	501 TGATTTTCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGTTGGTTA	550
	560	570	580	590	600	
Allel_1	551 AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_2	551 AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_3	551 AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_4	551 AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
	610	620	630	640	650	
Allel_1	601 TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_2	601 TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_3	601 TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_4	601 TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
	660	670	680	690	700	
Allel_1	651 TCTT					
Allel_2	651 TCTT					
Allel_3	651 TCTT					
Allel_4	651 TCTT					